

Figure 1

Light chain sequences

1	10	20	30	40	
EIVLTQSPGTL SLSPGERATL SCRASQSVSSSYLAWYQQK					germ-line
EIVLTQSPGTL SLSPGERATL SCRASQSVSSSFLAWYQQK					(1) AB1
ENVLTQSPGTL SLSPGERATL SCRASQSGSSSYLAWYQQK					(1) AB7
EIVLTQSPGTL SLSPGERATL SCRASQSVSSSFLAWYQQK					(1) AB11
EIVLTQSPGTL SLSPGERATL SCRASQSVSS-YLAWYQQK					(1) AB12
41	50	60	70	80	
PGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLE					germ-line
PGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLE					(41) AB1
PGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLE					(41) AB7
PGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLE					(41) AB11
PGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLE					(41) AB12
81	90	100	110	120	
PEDFAVYYCQYGGSP-----					germ-line
PEDFAVYYCQYSSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP					(81) AB1
PEDFAVYYCQYGGSPITFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFP					(81) AB7
PEDFAVYYCQYSSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP					(81) AB11
PEDFAVYYCQYGGSPPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP					(81) AB12

CDR1, CDR2, and CDR3 have been underlined.

Figure 2

Heavy chain sequences

1	10	20	30	40	
QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCASGGTFSSYAISWVRQA					germ-line
QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCASGGTFSRYPINWVRQA					(1) AB1
QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCASGGTFSRYAINWVRQA					(1) AB7
QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCASGGTFSRYPINWVRQA					(1) AB11
QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCASGGTFSRYIINWVRQA					(1) AB12
41	50	60	70	80	
PGQGLEWMGRIIPILGIANYAQKFQGRVTITADKSTSTAY					germ-line
PGQGLEWMGRIIPILGIADYAQRFQGRVTITADKSTNTAY					(43) AB1
PGQGLEWMGRIIPILDIADYAQKFQDRVTITADKSTNTAY					(43) AB7
PGQGLEWMGRIIPILGIADYAQRFQGRVTITADKFTNTAY					(43) AB11
PGQGLEWMGRIIPILGVENYAQKFQGRVTITADKSTSTAY					(43) AB12
81	90	100	110	120	
MELSSLRSED TAVYYCAR -----					germ-line
MELSSLRSED TAVYYCARRDWG DYWGQGLVTVSSASTKG					(85) AB1
MELSSLRSED TAVYYCARKDWF DPWGQGLVTVSSASTKG					(85) AB7
MELSSLRSED TAVYYCARRDWG DYWGQGLVTVSSASTKG					(85) AB11
MELSSLRSED TAVYYCARKDWF DYWGQGLVTVSSASTKG					(85) AB12
121					
-----		germ-line			
PSVFPLA		(121) AB1			
PSVFPLA		(121) AB7			
PSVFPLA		(121) AB11			
PSVFPLA		(121) AB12			

CDR1, CDR2, and CDR3 regions have been underlined.

Figure 3

VHABlnoleader

AB82	
	FR1
+1	Q V Q L V Q S G A E V K K P G S S V K V
1	CAGTTTCAGC TGGTCAGTC TGGGCTGAG GTGAAGAAGC CTGGTCCCTC GGTGAAGTTC
FR1	
+1	S C K A S G G T F S R Y P I N W V R Q A
61	TCCTGCAAG CTCTTGAGG CACCTTCAGC CGTTATCCTA TCAACTGGGT GCGACAGGCC
FR2	
+1	P G Q G L E W M G R I I P I L G I A D Y
121	CCTGACAAG GGCTTGAGTG GATGGAGAG ATCATCCCTA TCCTTGATAT AGCAGACTAC
FR3	
+1	A Q R F Q G R V T I T A D K S T N T A Y
181	GCACAGAGT TCCAGGGCAG AGTCACGATT ACCGGGACA AATCCACGAA CACAGCCTAC
CDR2	
+1	M E L S S L R S E D T A V Y Y C A R R D
241	ATGAGCTGA GCAGCCTGAG ATCTGAGGAC ACGGCCGTGT ATTATTGTGC GAGGAGGGAC
CDR3	
	FR4
+1	W G D Y W G Q G T L V T V S S A S T K G
301	TGGGAGACT ACTGGGGCCA GGAACCTG GTACCGTCT CCTCAGCCTC CACCAAGGC
AB90	
	gamma-1 constant
+1	P S V F P L A
361	CCATCGGTCT TCCCCCTGGC A

Figure 4

VLBI with leader

																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					</
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

Figure 5

VHAB7noleader

AB62	
FR1	
+1	Q V Q L V Q S G A E V K K P G S S V K V
1	CAGGTTCAGC TGGTCAGTC TGGGCTGAG GTGAGAAGC CTGGTCCTC GGTGAAGTC
FR1	
FR2	
+1	S C K A S G G T F S R Y A I N W V R Q A
61	TCCTGCAAGG CTCTGAGG CACCTTCAGC AGATATGCTA TCAACTGGGT GCGACAGGCC
FR2	
CDR2	
+1	P G Q G L E W M G R I I P I L D I A D Y
121	CCTGGACAAG GACTGAGTG GATGGAAGG ATCATCCCTA TCCTGATAT AGCAGACTAC
FR3	
CDR2	
+1	A Q K F Q D R V T I T A D K S T N T A Y
181	GCACAGAAGT TCCAGACAG AGTCACGATP ACCGGGACA AGTCCACGAA CACAGCCTAC
CDR3	
+1	M E L S S L R S E D T A V Y C A R K D
241	ATGGAGCTGA GCAGCCTGAG ATCTGAGGAC ACGGCCGTGT ATTACTGTGC GAGAAAGGAC
FR4	
CDR3	
+1	W F D P W G Q G T L V T V S S A S T K G
301	TGGTTGACC CTTGGGGCCA GGAACCTTG GTACCCGTCT CCTCAGCCTC CACCAAGGCC
gamma-1 constant	
AB90	
+1	P S V F P L A
361	CCATCGGTCT TCCCCCTGGC A

Figure 6

VLAB7wihltleader

		leader	
		AB125	
+1	M E A P A Q L L F L L L W L P D I T G		
1	ATGGAAGCCC CAGACAGCT TCTCTCCCTC CTGCTACTCTT GGTCCCGA TATCACCGGA		
		FR1	
+1	E N V L T Q S P G T L S L S P G E R A T		
61	GAAATGTGT TGAAGCAGTC TCCAGGCACC CTGTCTCTGT CTCAGGGGA AAGAGCCACC		
		FR1	
+1	L S C R A S Q S G S S Y L A W Y Q Q K	CDR1	
121	CTCTCTGCA GGGCCAGTCA GAGTGTAAGC AGCAGCTACT TAGCCTGTA CCAGCAGAAA		
		FR2	
+1	P G Q A P R L L I Y G A S S R A T G I P	CDR2	
181	CCTGGCCAGG CTCGCCAGGCT CCTCATCTAT GTGCATCCA GTAGGGCCAC TGGCATCCCA		
		FR3	
+1	D R F S G S G S G T D F T L T I S R L E	FR3	
241	GACAGTTCA GTGGCAGTGG GTCTGGGACA GACTTCACTC TCACCATCAG CAGACTGGAG		
		FR3	
		JK5	
+1	P E D F A V Y Y C Q Q Y G S S P I T F G	CDR3	
301	CCTGAAGATT TTGCAGTGTGTA TTAAGTTCAG CAGTATGGTA GTTCACCGAT CACCTTCGGC		
		FR4	
		AB16	
		JK5	
+1	Q G T R L E I K R T V A A P S V F I F P	kappa constant	
361	CAAGGACAC GACTGAGAT TAAAGAACT GTGGTGCAC CAATGTCTT CATCTTCCCC		

Figure 7

VHAB1noleader

		FR1	
		AB62	
+1	Q V Q L V Q S G A E V K K P G S S V K V		
1	CAGGTGCAGC TGGTCAGTC TGGGGCTGAG GTGAGAAGC CTGGGTCTC GGTGAAGTC		
		FR1	FR2
+1	S C K A S G G T F S R Y P I N W V R Q A	CDR1	
61	TCCTGCAAGG CTCTGAGG CACCTTCAGC CGTTATCCTA TCACTGGGT GCGACAGGCC		
		FR2	
		CDR2	
+1	P G Q G L E W M G R I I P I L G I A D Y		
121	CCTGGACAAG GCCTTGAGTG GATGGGAAGG ATCATCCCTA TCCTTGATAT AGCAGACTAC		
		FR3	
		CDR2	
+1	A Q R F Q G R V T I T A D K F T N T A Y		
181	GCACAGAGGT TCCAGGGCAG AGTCACGATT ACCGGGACA AATCAGGAA CACAGCCTAC		
		CDR3	
+1	M E L S S L R S E D T A V Y Y C A R R D	FR3	
241	ATGGAGCTGA GCAGCCTGAG ATCTGAGGAC ACGGCCGTGT ATTATTGTGC GAGGAGGGAC		
		CDR3	
		D7-27	
		FR4	
+1	W G D Y W G Q G T L V T V S S A S T K G	JH4b	
301	TGGGAGACT ACTGGGGCCA GGGAACCTG GTCACCGTCT CCTCAGCCTC CACCAAGGGC		
		gamma-1constant	
		AB90	
+1	P S V F P L A		
361	CCATCGGTCT TCCCCCTGGC A		

Figure 8

VLAB1withleader

leader	
	AB125
+1	M E A P A Q L L F L L L W L P D T T G
1	ATGGAAGCCC CAGCACAGCT TCTTTCCTC CTGCTACTCT GGTCCACAGA TACCACCGGA
FR1	
+1	E I V L T Q S P G T L S L S P G E R A T
61	GAATTTGTGT TGACGCAGTC TCCAGGCACC CTGCTTTGT CTCGAGGGA AAGAGCCACC
FR2	
+1	L S C R A S Q S V S S S F L A W Y Q Q K
121	CTCTCCTGCA GGGCCAGTCA GAGTGTAGC AGCAGCTCT TAGCCTGTA CCAGCAGAAA
FR3	
+1	P G Q A P R L L I Y G A S S R A T G I P
181	CCTGGCCAGG CTCCAGGCT CCTCATCTAT GGTGCATCCA GCAGGGCCAC TGGCATCCCA
FR4	
+1	D R F S G S G T D F T L T I S R L E
241	GACAGGTCA GTGGCAGTGG GTCTGGGACA GACTTCACTC TCACCATCAG CAGACTGGAG
FR5	
+1	P E D F A V Y Y C Q Q Y S S S P L T F G
301	CCTGAAGATT TTGCAGTGT TTACTGTGAG CAGTATAGTA GCTCACCAGCT CACTTTGGGC
FR6	
+1	G G T K V E I K R T V A A P S V F I F P
361	GGAGGACCA AGGTGAGAT CAACGAACT GTGCTGCAC CATCTGTCTT CATCTTCCCC
421	G

Figure 9

VHAB12no1leader

AB63	
	FR1
+1	Q V Q L V Q S G A E V K K P G S S V K V
1	CAGTGCACG TGTGCAGTC TGGGGCTGAG GTGAAGAAGC CTGGGTCTC GGTGAAGTTC
FR1	
	CDR1
+1	S C K A S G G T F S R Y I I N W V R Q A
61	TCCTGCAAGG CTTCTGAGG CACCTTCAGC AGGTATATTA TCAACTGGGT GCGACAGGCC
FR2	
	CDR2
+1	P G Q G L E W M G R I I P I L G V E N Y
121	CCTGACAAG GCTTGAGTG GATGGGAAG ATCATCCCTA TCCTTGTGT AGAAACTTAC
CDR2	
+1	A Q K F Q G R V T I T A D K S T S T A Y
181	GCACAGAAGT TCCAGGGCAG AGTCACGATT ACCGGGACA AATCCAGAG CACAGCCTAC
CDR3	
	FR3
+1	M E L S S L R S E D T A V Y Y C A R K D
241	ATGAGCTGA GCAGCCTGAG ATCTGAGAGC ACGGCCGTGT ATTACTGTGC GAGAAAGGAC
CDR3	
	FR4
	JH4b
+1	W F D Y W G Q G T L V T V S S A S T K G
301	TGGTTGATT ACTGGGCCA GGAACCTG GTCAACGTCT CCTCAGCCTC CACCAAGGCC
AB90	
	gamma-1constant
+1	P S V F P L A
361	CCATCGTCT TCCCCCTGC A

Figure 10

VLAB12noleader

	AB125	leader
+1	M E A P A Q L L F L L L W L P D T T G	
1	ATGGAAGCCC CAGCAGAGCT TCTCTTCCTC CTGCTACTCT, GGCTCCAGGA TACCACCGGA	
+1	E I V L T Q S P G T L S L S P G E R A T	FR1
61	GAAATGTGT TGACGAGTC TCCAGGCACC CTGTCTTTGT CTCAGGGGA AAGAGCCACC	
	FR1	FR2
+1	L S C R A S Q S V S S Y L A W Y Q Q K P	CDR1
121	CTCTCTGCA GGGCCAGTCA GAGTGTAGC AGCTACTTAG CCTGGTACCA GCAGAAACCT	
	FR2	FR3
+1	G Q A P R L L I Y G A S S R A T G I P D	CDR2
181	GGCCAGGCTC CCAGGCTCCT CATCTATGCT GCATCCAGCA GGGCCACTGG CATCCAGAC	
	FR3	
+1	R F S G S G S G T D F T L T I S R L E P	
241	AGTTCAGTG GCAGTGGGTC TGGGACAGAC TTCACTCTCA CCATCAGCAG ACTGGAGCCT	CDR3
		FR4
+1	E D F A V Y Y C Q Q Y G S S P L T F G G	FR3
301	GAAGATTGT CAGTGTATTA CTGTACGACG TATGTAGCT CACCCTCAC TTTCGGCGGA	JK4
	FR4	AB16
	JK4	Kappa constant
+1	G T K V E I K R T V A A P S V F I F P	
361	GGGACCAAGG TGGAGATCAA ACGAACTGTG GCTGCACCAT CTGTCTTCAT CTTCGCCG	

Figure 11

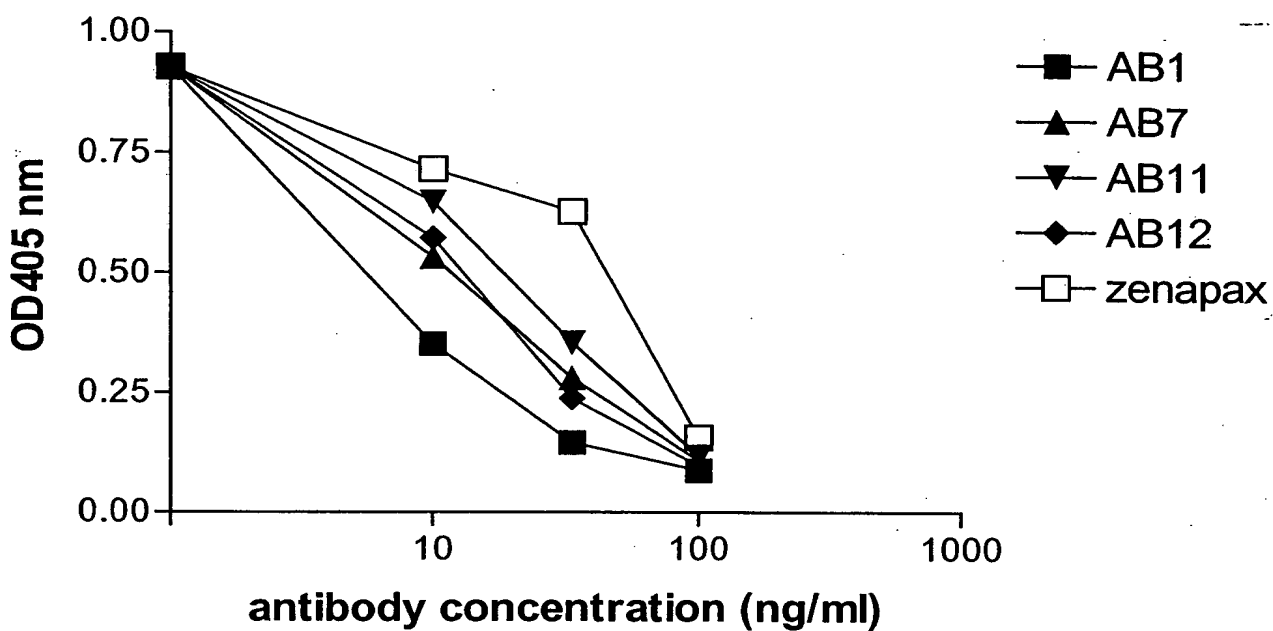


Figure 12

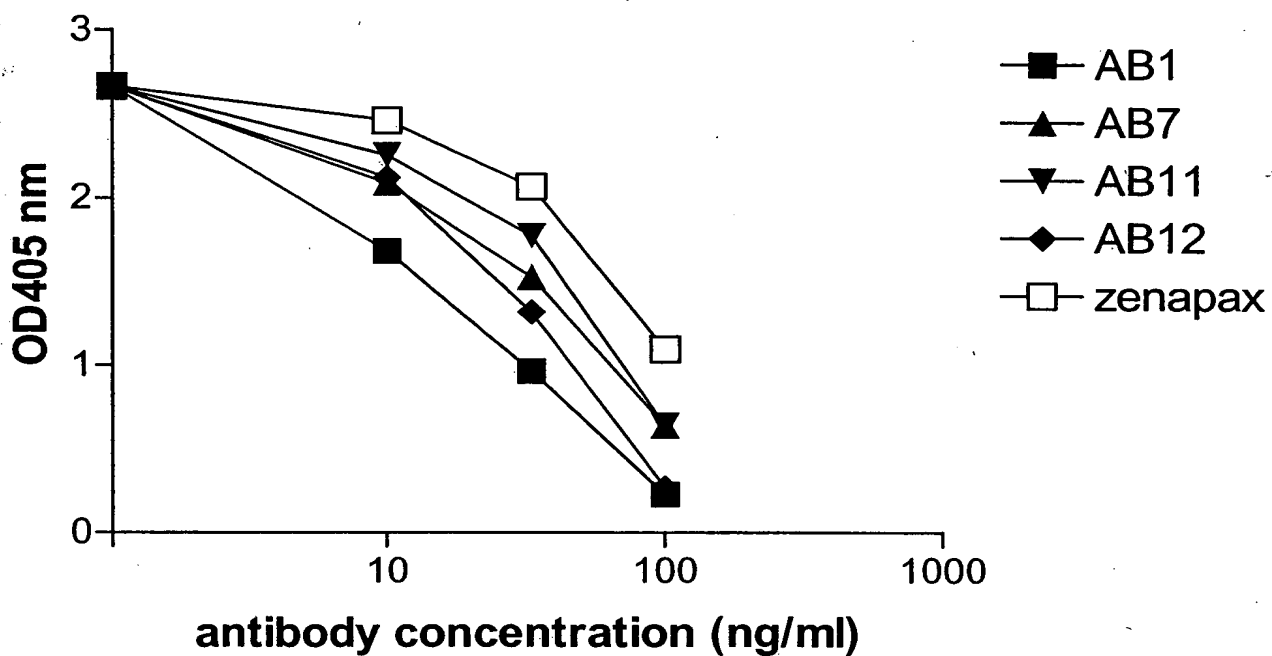


Figure 13

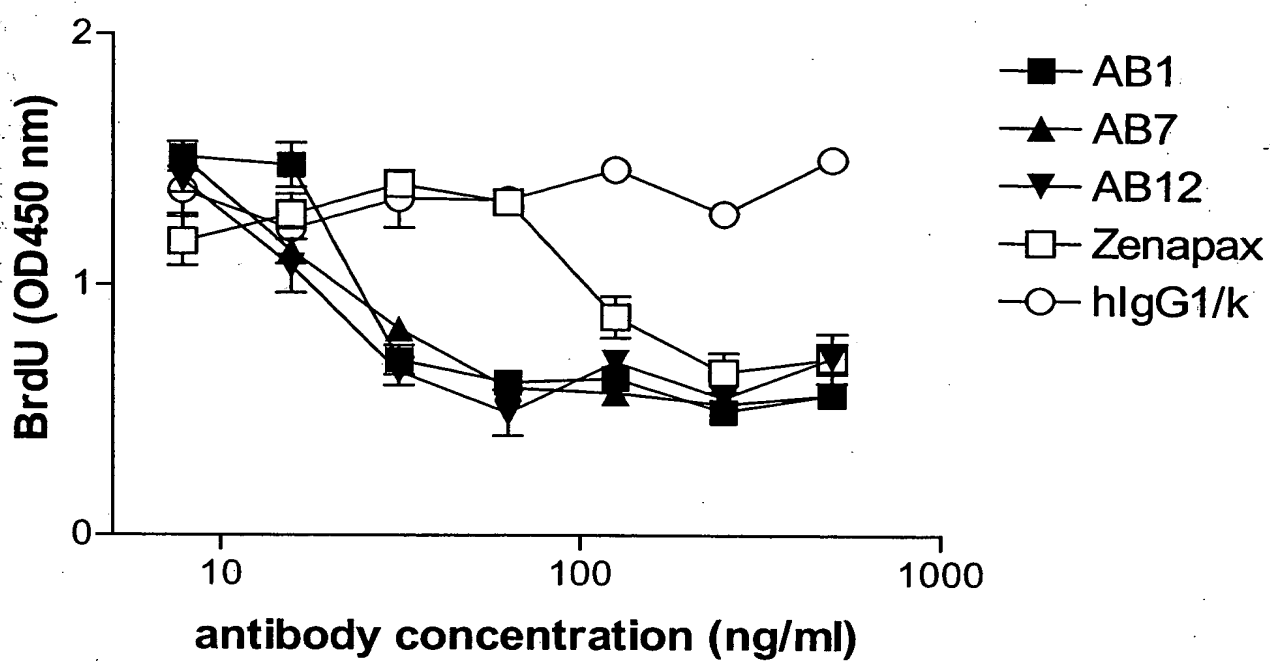


Figure 14

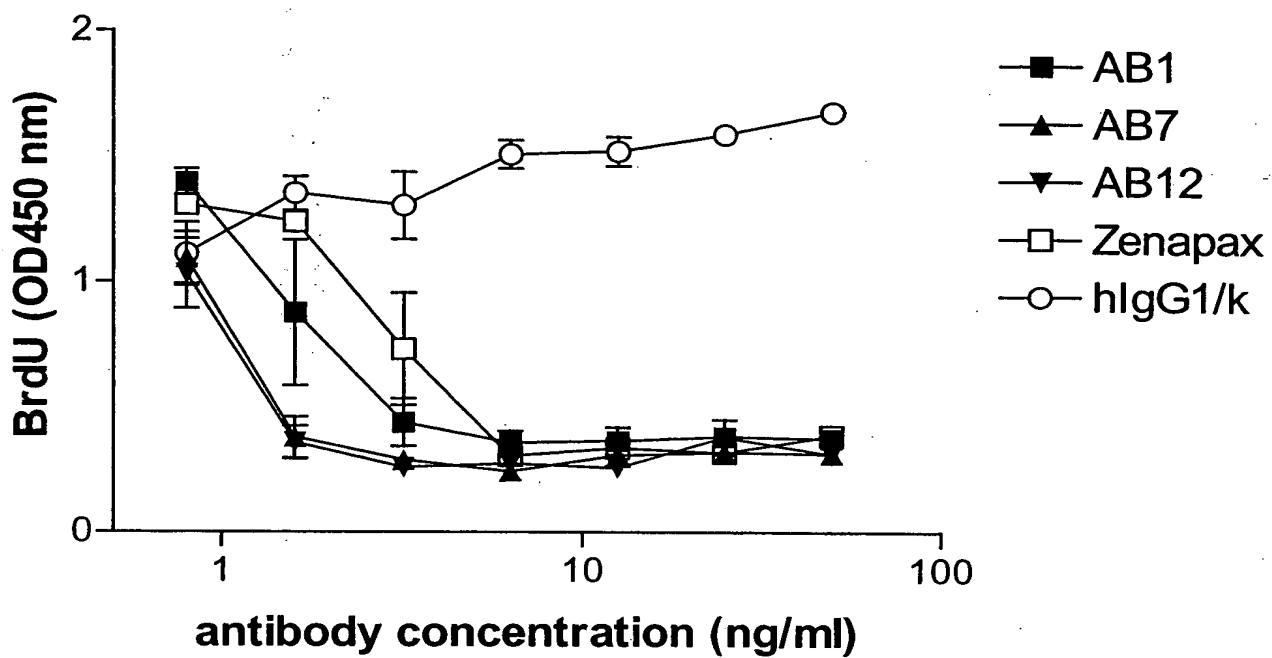


Figure 15

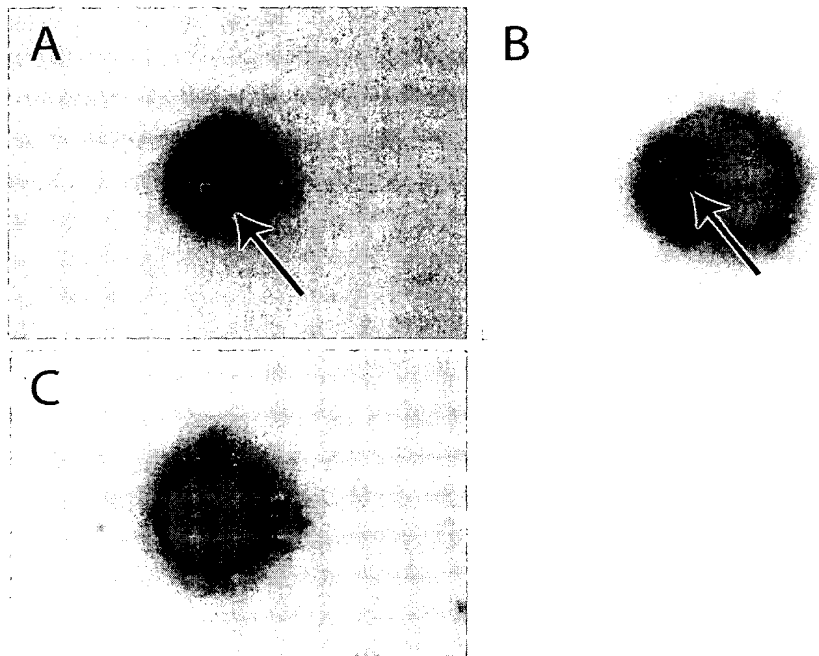
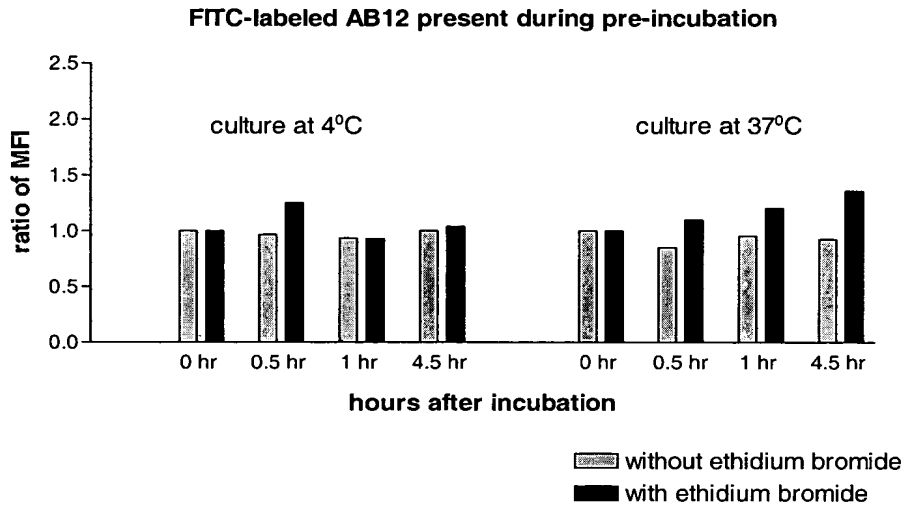


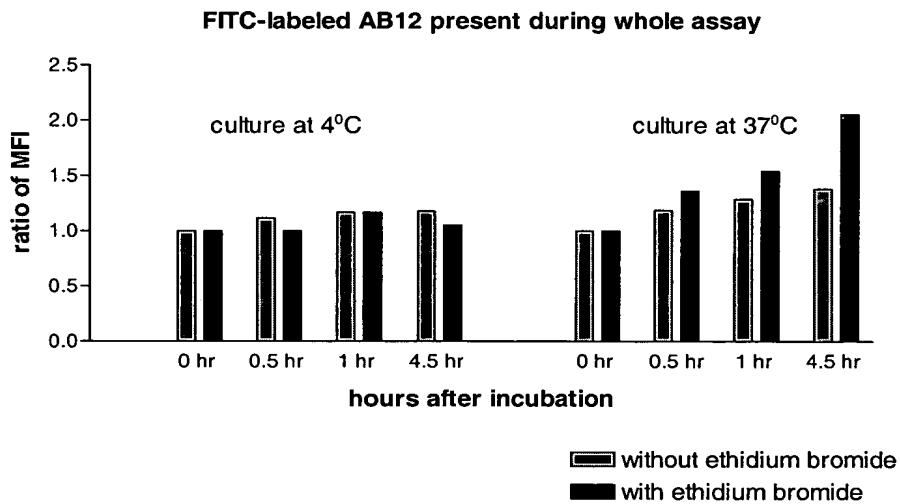
Figure 16

A



5

B



10